



Sequence Revision History

[PubMed](#)[Nucleotide](#)[Protein](#)[Genome](#)[Structure](#)[PMC](#)[Taxonomy](#)[OMIM](#)**Find** (*Accessions, GI numbers or Fasta style SeqIds*) **AF326353**[About Entrez](#)

Revision history for **AF326353**

[Entrez](#)[Search for Genes](#)

LocusLink provides curated information for human, fruit fly, mouse, rat, and zebrafish

[Help](#) | [FAQ](#)

Batch Entrez: Upload a file of GI or accession numbers to retrieve protein or nucleotide sequences

Check sequence revision history

How to create WWW links to Entrez

[LinkOut](#)[Cubby](#)

Related resources

[BLAST](#)[Reference sequence project](#)[LocusLink](#)[Clusters of orthologous groups](#)[Protein reviews on the web](#)

GI	Version	Update Date	Status
16797891	1	Nov 8 2001 12:04 AM	Live

Accession **AF326353.1** was first seen at NCBI on Nov 8 2001 12:04 AM

[Disclaimer](#) | [Write to the Help Desk](#)
[NCBI](#) | [NLM](#) | [NIH](#)

EXHIBIT A

Align two sequences

Wed Mar 23 18:20:39 "GMT 2005

```

/usr/tmp/seq1.104490.sca : 261 aa
>109 AA, 261 bases, F75295DD checksum.          261 aa vs.
>SEQ ID NO:2, 261 bases, 4B98E4F0 checksum.      261 aa
scoring matrix:  gap penalties: -12/-2
99.6% identity;      Global alignment score: 1734

```

```

      10      20      30      40      50      60
/usr/t MGSLPSRRKSLPSPSLSSSVQGGPVTMEAERSKATAVALGSFPAGGPAELSLRLGEPLT
      .....
SEQ    MGSLPSRRKSLPSPSLSSSVQGGPVTMEAERSKATAVALGSFPAGGPAELSLRLGEPLT
      10      20      30      40      50      60

      70      80      90     100     110     120
/usr/t IVSEGDWWTVLSEVSGREYNIPSVHVGKVSHGWLYEGLSREKAEELLLLPGNPGGAFLI
      .....
SEQ    IVSEGDWWTVLSEVSGREYNIPSVHVGKVSHGWLYEGLSREKAEELLLLPGNPGGAFLI
      70      80      90     100     110     120

      130     140     150     160     170     180
/usr/t RESQTRRGSYSLSVRLSRPASWDRIRHYRIHCLDNGWLYISPRLTFPSLQALVDHYSELA
      .....
SEQ    RESQTRRGSYSLSVRLSRPASWDRIRHYRIHCLDNGWLYISPRLTFPSLQALVDHYSELA
      130     140     150     160     170     180

      190     200     210     220     230     240
/usr/t DDICLLKEPCVLQAGPLPGKDIPLPVTVQRTPLNWKELDSSLLFSEAATGEESLLSEG
      .....
SEQ    DDICLLKEPCVLQAGPLPGKDIPLPVTVQRTPLNWKELDSSLLFSEAATGEESLLSEG
      190     200     210     220     230     240

      250     260
/usr/t LRESLSFYISLNDEAVSLDDA
      .....
SEQ    LRESLSFYISLNDEAVSLDDA
      250     260

```

Elapsed time: 0:00:00

EXHIBIT B

Align two sequences

Thu Mar 24 02:37:47 "GMT 2005

```
/usr/tmp/seq1.104989.sca : 1183 nt
>87919652 nucleic acid sequence of the '191 appli 1183 nt vs.
>SEQ ID NO:1, 786 bases, EF1BE03B checksum. 786 nt
scoring matrix: , gap penalties: -12/-2
43.4% identity; Global alignment score: -278
```

```
      10      20      30      40      50
/usr/t CTAGGCA-TCATCCAA--AGA-GACAGCCTCGTCATTGAGGCTGATGTAGAAGCT-GAGG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
SEQ    ATGGGAAGTCTGCCAGCAGAAGAAAATCTCTGC---CAAGCC-----CAAGCTTGAGT
      10      20      30      40      50

      60      70      80      90     100     110
/usr/t GACTCC--CGGAGACCCTCACTGAGAAGAGACTCCTCCCCTGTGGCAGCTTCAGAAAACA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
SEQ    TCCTCTGTCCAAGGCC-----AGGGACCTGTGACCA-TGGAAGC---AGAGAGAA
      60      70      80      90

      120     130     140     150     160     170
/usr/t GGAGGGAGCTGTCCAGTCTTTCCAGTTGAGTGGTGTCTCTGCACAGTCACAGGTAGGG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
SEQ    GCAAGG-----CCA-----CAGCCGTG---GCCCTGGGCAGTTTC-CCGGCAGGT
      100     110     120     130

      180     190     200     210     220     230
/usr/t GTATATCCTTGCCAGGGAGCGGGCCAGCCCTCTGCAG-GACACAGGGCTCC-TTGAGTAG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
SEQ    G-----GCC-----CGGCCGAGCTGTC-GCTGAGACTCGGGGAGCCATTGA----
      140     150     160     170

      240     250     260     270     280     290
/usr/t GCAGCAGATGTATCCGCCAGCTCAGAGTAATGGTCCACCAGGGCCTGGAGTGAGG-GGA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
SEQ    -----CCATCGTCTCTGAGGA-----TGGAGACTGGTGGA
      180     190     200

      300     310     320     330     340     350
/usr/t AGGTGAGGCGCGGTGAGATGTACAGCCAGCCATTGTCAAGGCAGTGGATCCTGTAGTGTG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
SEQ    CGGTG-----CTGTCTGAAGTC-----TCA-GGCAGAG-----AGTATA
      210     220     230     240

      360     370     380     390     400     410
/usr/t TGATCCGGTCCCAGGATGCAGGGCGGCTGAGGCGGACTGACAGAGAGTAAGAGCCTCTCC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
SEQ    ACATC-----CCAGCGTCCACGTGGCC-----AAAGTCTCCCA
      250     260     270

      420     430     440     450     460     470
/usr/t TGGTCTGGCTCTCCCGGATGAGGAAGGCCCTCCAGGGTCCCAGGTAACAACAGCAGTT
```

EXHIBIT C

```

      :::  :::::  :      :::::  :::  :::::  ::  :  ::  :  :
SEQ    TGGG-TGGCTGT-----ATGAGG---GCCTGAGCAGGG-----AGAAAGCAGAGGAACTG
      280          290          300          310          320

      480          490          500          510          520
/usr/t  CCTCTGCTTTTCT-----CCCTGCTCAGGCCCTCATACAGCCACCCATGGGAGACTTTGCC
      :  :  :  :  :      :::::  :::::  :  :      :  :  :  :  :  :
SEQ    CTGTTGTTACCTGGGAACCCCTGGAGGGGCCCTTCCT-----CATCC--GGGAGAGCCAGAC
      330          340          350          360          370

      530          540          550          560          570          580
/usr/t  CACGTGGACGCTGGGGATGTTATACTCTCTGCCTGAGACTTCAGACAGCACCGTCCACCA
      ::  :::  :  :  :  :  :  :::::  :  :  :  :  :  :  :
SEQ    CA---GGA-----GAGGCTCTTA--CTCTCTG-----TCAGTCCGCCTCAGCCGCC-
      380          390          400          410

      590          600          610          620          630          640
/usr/t  GTCTCCATCCTCAGAGACGATGGTCAATGGCTCCCCGAGTCTCAGCGACAGCTCGGCCGG
      :  :  :  :  :  :  :      :  :  :  :  :  :  :  :  :
SEQ    --CTGCATCCTGGGA-----CCGGA---TCAG--ACA---CTACAGG
      420          430          440

      650          660          670          680          690          700
/usr/t  GCCACCTGCCGGGAAACTGCCCAGGGCCACGGCTGTGGCCTTGCTTCTCTCTGCTTCCAT
      :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
SEQ    ATCCACTGCCTTGACAATGGC-----TGGCTGTACATCTCACC CGCC---
      450          460          470          480          490

      710          720          730          740          750          760
/usr/t  GGTACAGGTCCCTGGCCTTGACAGAGGAACTCAAGCTTGGGCTTGGCAGAGATTTTCT
      :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
SEQ    --TCAC-----CTTCCC-----CTCACTCCAGGCCCTGGTGGACCATTACT
      500          510          520

      770          780          790          800          810          820
/usr/t  TCTGCTGGGCAGACTTCCCATTTGTTTCCTCAGCAGAGCACTCA-GAAGCACATCATCGAGG
      :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
SEQ    ---CTGAGCTGGCGGATGA-----CATCTGCTGCCTACTCAAGGAGCCC-----
      530          540          550          560          570

      830          840          850          860          870          880
/usr/t  GAAATTGGTTTGTTCAT-CAAAGGCTTGGAAGACAGCTCTGCTGAGACGCATGCTCTGGC
      :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
SEQ    -----TGTGTCCTGCAGAGG-----GCTG---GCCCCGTCC--C
      580          590

      890          900          910          920          930          940
/usr/t  TGGACAGGTTAGGGCTTTGGGGGCCCTTCTGGAAGTCTGCCAGTGTCTTGGTCTTAGGA
      :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
SEQ    TGGCAAGGATAT-----ACCC-----CTACCTGTGAC--TGTGCAGAGGA
      600          610          620          630

      950          960          970          980          990          1000
/usr/t  CACCCAGAACTCTCTCAGCCTGGGAGGATCTTCAGGGAGAGGCTAGGTGTTGGTTTGGGT
      :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
SEQ    CACCA-----CTCAAC-TGGAAAGAGCT---GGACAG-CTCCCTCCTGTTTCTGA
      640          650          660          670          680

      1010          1020          1030          1040          1050          1060
/usr/t  AGCTCAGCATCTGTCTGCAGTCAGCAGTTTGTACACCAGGGATGGATCAGCTGCCCCATG
```

```
      : : : :      : : :      : : : : : : : : : :
SEQ  AGCT-----GCCA-----CAGGGGAGGAGTCTCTTCTCAGTG
      690              700          710

      1070      1080      1090      1100      1110
/usr/t CTCCTTAGGGATTCTGGACTGGGGAACCCTCCCAAGC---ACAGCCGAGCCAGGGAGGG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
SEQ  -----AGGG--TCT---CCGGGAGTCCCTC---AGCTTCTACATC--AGCCT-----G
      720              730              740              750

      1120      1130      1140      1150      1160      1170
/usr/t AAGGCCCAGGGCCCTTTGAGCTCTGTCTACAGAGACACAGGCGTGGGGTCCTTGGA-GCT-
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
SEQ  AATGACGAGG-----CTGTC-----TCTTTGGATGATG
      760              770              780

      1180
/usr/t -CTAGCT
      : : : :
SEQ  CCTAG--
```

Elapsed time: 0:00:00